第 38 卷第 9 期 生 态 学 报 Vol.38,No.9
2018 年 5 月 ACTA ECOLOGICA SINICA May,2018

DOI: 10.5846/stxb201703070382
陈悦,吕光辉,李岩.独山子区优势草本植物根际与非根际土壤微生物功能多样性.生态学报,2018,38(9):3110-3117.
Chen Y, Lü G H, Li Y.Soil microbial functional diversity of rhizosphere and non-rhizosphere of three dominant herbaceous plants in the Dushanzi District. Acta Ecologica Sinica,2018,38(9):3110-3117.

独山子区优势草本植物根际与非根际土壤微生物功能多样性

陈 悦[1,2],吕光辉[2,3,*],李 岩[2,3]
1 新疆大学资源与环境科学学院,乌鲁木齐 830046
2 绿洲生态教育部重点实验室,乌鲁木齐 830046
3 新疆大学干旱生态环境研究所,乌鲁木齐 830046

摘要:以独山子区 3 种优势草本植物的根际与非根际土壤为研究对象,采用 Biolog-ECO 微平板法对土壤微生物功能多样性进行了研究。结果表明:3 种不同植物根际与非根际土壤微生物代谢活性(AWCD)、丰富度指数 Shannon(H)和均匀度指数 McIntosh(U)均存在不同差异,且博乐蒿根际土壤微生物功能多样性均优于非根际土壤及其他两种植物;根际土壤微生物对糖类、脂类、酸类和胺类碳源物质比较敏感,非根际土壤微生物敏感于酸类、氨基酸类以及糖类碳源,根际土壤微生物对碳源的利用能力更强,且不同植物根际环境微生物碳源利用特征不同;微生物活性、丰富度指数和微生物均匀度指数与土壤 pH 值、SOM、AP 和 NO_3^--N 存在显著正相关(P<0.05);博乐蒿根际土壤养分含量与微生物活性均较高,对环境的适应性更强,在独山子区生态环境管理与建设中可对其进行关注。

关键词:优势种;根际土壤;微生物功能多样性;独山子区;Biolog-ECO 微平板

Soil microbial functional diversity of rhizosphere and non-rhizosphere of three dominant herbaceous plants in the Dushanzi District

CHEN Yue[1,2], LÜ Guanghui[2,3,*], LI Yan[2,3]
1 *College of Resources and Environmental Scienc, Xinjiang University, Urumqi* 830046, *China*
2 *Key Laboratory of Oasis Ecology Ministry of Education, Urumqi* 830046, *China*
3 *Institute of Arid Ecology and Environment, Xinjiang University, Urumqi* 830046, *China*

Abstract: The microbial functional diversity of rhizosphere and non-rhizosphere soils of three dominant herbs in the Dushanzi area were studied using the Biolog-ECO micro-plate method. The results showed that the microbial metabolic activity, richness index, and uniformity index were different between the rhizosphere and non-rhizosphere soils of the three species, and the soil microbial functional diversity of *Artemisia boratalensis* was superior to that in the non-rhizosphere soil and to the rhizosphere soils of other two species. Rhizosphere soil microbes are sensitive to sugar, lipids, acids, and amines, whereas the non-rhizosphere soil microbes are sensitive to acids, and amino acid and carbohydrate carbon sources. Rhizosphere soil microorganisms have stronger ability to use carbon sources, and microbial carbon source utilization characteristics differ in different plant rhizosphere environments. Significant correlations (P < 0.05) were observed between micro-organism activity, richness index, and evenness index, and soil pH, soil organic matter, available phosphorus, and NO_3^--N. The rhizosphere soil of *Artemisia boratalensis* has higher microbial activity and stronger adaptability to the

基金项目:国家自然科学基金项目(31560131);国家自然科学重点基金项目(41130531)
收稿日期:2017-03-07; **网络出版日期**:2018-01-26
*通讯作者 Corresponding author.E-mail: ler@ xju.edu.cn

environment, and therefore should receive attention in Dushanzi ecological environment construction and management.

Key Words: dominant species; rhizosphere soil; microbial functional diversity; Dushanzi District; Biolog-ECO

土壤微生物是生物地球化学循环的引擎[1],它在维持生态系统整体服务功能方面具有重要作用,常被比作土壤养分元素循环的"转化器"、环境污染物的"净化器"以及陆地生态系统稳定的"调节器"[2]。土壤生态系统中所有的微生物种类、基因以及微生物与环境之间相互作用的多样化程度便是土壤微生物的多样性。而土壤微生物功能多样性是土壤微生物群落状态与功能的重要指标之一[3],包括分解、营养传递以及促进或抑制植物生长的功能,对明确不同环境中微生物群落的作用以及土壤生态功能具有重要意义。

土壤微生物多样性通常以土壤微域结构和空间分异这样的环境条件而被直接影响,其中植物根际是土壤微域结构的主要类型之一[4]。目前,根际土壤微生物的研究主要集中在盐碱地、山区、草地等[5-7]自然生态系统中,农田连作、施肥和受污染土壤等[8-10]人为干扰的非自然生态系统中,主要通过对植物根际土壤的微生物量、群落结构及多样性等研究,发现因地域、环境、土地利用方式以及生长时间的不同而得到不同的根际土壤微生物特征,但对干旱区土壤微生物功能多样性的研究,鲜见报道。

新疆克拉玛依市独山子区是西部重要的石化基地和油气引进、加工、储转的战略枢纽,也是天山北坡经济带重点发展地区。独山子石油从开采到现今已有近 120 年。长期的石油加工作业,使得与工业活动相关的土壤问题变得日益突出,生态恢复迫在眉睫。生态系统的恢复不仅要考虑植物多样性,更要关注土壤微生物多样性,土壤微生物多样性对土壤结构及团聚体的形成、土壤稳定性和肥力、有机物质的转化具有重要意义[11]。植被的存在,为土壤微生物提供其生存的营养物质与能量,并通过影响土壤有机碳、氮和磷的水平、土壤含水量、温度、孔隙度及 pH 值等来影响土壤微生物多样性[12]。因此,研究植被对土壤微生物群落的影响,揭示不同植被与土壤微生物群落的关系,有助于选择合适的植被类型进行生态恢复和重建。

本研究以独山子区三种优势草本植物的根际与非根际土壤为研究对象,采用 Biolog-ECO 微平板法,对不同植物根际与非根际土壤化学性质、微生物平均颜色变化率、微生物多样性指数、微生物代谢多样性类型、微生物多样性与土壤化学性质的关系进行研究。通过土壤微生物功能多样性探讨,了解当地优势草本植物根际土壤微生物功能多样性,旨在为独山子区生态环境建设与改善提供一定理论依据。

1　研究区概况

研究区位于克拉玛依市独山子区石化工厂周边具有原生态草场区域。独山子区位于 84°43′—85°06′E, 44°07′—44°23′N,平均海拔 400m,年均气温 8.1℃,年降水量 108.9mm,年均蒸发量达 3008.9mm,为降水量的 20.8 倍,属典型温带大陆性气候。干旱少雨、春秋多风是其突出的气候特征。研究区域主要土质为荒漠灰钙土和灰棕荒漠土,春夏季主要优势植物有建群种博乐蒿(*Artemisia boratalensis*)、骆驼刺(*Alhagi sparsifolia*)及短命植物旱麦草(*Eremopyrum triticeum*)、四齿芥(*Tetracme quadricornis*)、叉毛蓬(*Petrosimonia sibirica*)、庭荠(*Alyssum desertorum*)、涩荠(*Malcolmia africana*)、角果藜(*Ceratocarpus arenarius*)等。

2　材料与方法

2.1　试验设计

研究样地位于独山子石化工厂下风向 2—3km 范围的区域,通过样地植被调查,根据重要值选取 3 种不同科属的优势草本植物作为研究样本,包括博乐蒿、旱麦草和四齿芥,它们的重要值依次为 34.70%、23.50%、11.89%,在下文中分别以 BLH、HMC 和 SCJ 表示。

样方设置为随机划分的 15 块 3m×3m 的区组,区组之间距离≥2m,每块样地中包含以上 3 种优势草种各至少 6 株。

2.2 土样采集

土壤样品于 2016 年 5 月 25 日采集,植物根际土参照 Riley 和 Barber 的抖落法[13],非根际土壤取植物根际投影范围外自地面垂直 0—15cm 范围内的土样。在每个样方中随机选择大小适中的 3 种植物各 4 株,取其根际与非根际土,分别混合均匀,装于无菌瓶中,置于便携式车载冰箱,在低温条件下运回实验室,储藏于 -18℃的环境,用于后续功能多样性和理化性质测定。

2.3 测定方法

土壤微生物代谢活性和功能多样性采用 Biolog-ECO 微平板法进行测定[14]。

操作步骤:称取相当于 10g 烘干土壤重量的新鲜土样于无菌 250mL 三角瓶中,加入 90mL 无菌 NaCl 溶液(0.85%),封口后,在摇床振荡 15min,静置澄清,取上清液,在超净工作台中用无菌 NaCl 溶液(0.8%)稀释到 10^{-3},用 8 通道加样器将稀释后的菌液加入 Biolog 生态培养板上,每孔加 150μL。将接种的 Biolog-ECO 板放在 28℃培养箱中培养 8d,每隔 24h 用 ELX-808 型酶标仪读取培养板在 590nm 波长的吸光值。

土壤理化性质测定包括:pH 值、电导率(EC)、土壤有机质(SOM)、土壤速效磷(AP)、土壤铵态氮(NH_4^+-N)和硝态氮(NO_3^--N),具体操作步骤参照《土壤农化分析》[15]。

2.4 数据处理

所得数据采用以下公式进行计算分析:

(1)土壤微生物的代谢活性用每孔颜色平均变化率(Average Well Color Development,AWCD)来计算:

$$AWCD = \left[\sum (C_i - R)\right] / 31$$

式中,C_i为各反应孔在 590nm 下的光密度值;R 为对照孔 A_1 的光密度值;31 为 Biolog-ECO 生态板的 C 源数目。$C_i - R$ 小于零的孔,在计算中记为 0,即:$C_i - R \geqslant 0$;

(2)Simpson 指数(D):

$$D = 1/\sum P_i^2$$

式中,$P_i = (C_i - R)/\sum (C_i - R)$,表示有碳源的孔与对照孔 A_1 的光密度值之差与整板总差的比值。

(3)Shannon 指数(H):

$$H = -\sum (P_i \times \ln P_i)$$

(4)McIntosh 指数(U),用于评估群落物种均匀度:

$$U = \sqrt{\sum (C_i - R)^2}$$

数据采用 Microsoft Excel 2010、SPSS 22.0 以及 Canoco 4.5 软件计算分析,通过方差分析(Analysis Of Variance, ANOVA)、相关分析(Correlation Analysis)、主成分分析(Principal Component Analysis, PCA)以及冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)进行数据处理,所有数据为 15 次重复的平均值。

3 结果分析

3.1 不同植物根际与非根际土壤化学性质的变化

由表 1 中可知,独山子区春夏季 3 种优势草本植物之间的 pH 值、EC、SOM、AP、NH_4^+-N 和 NO_3^--N 含量在植物根际与非根际土壤中存在不同程度的差异。3 种植物除 SCJ 外,其余植物根际土壤中 pH 值均小于相应的非根际土,差异均不显著(P>0.05);3 种植物根际土壤 SOM 含量均小于非根际土,其中 BLH 非根际土壤中 SOM 含量显著高于根际土(P<0.05);BLH 根际 AP 与 NH_4^+-N 含量均显著低于非根际土(P<0.05);BLH 根际土壤 NO_3^--N 含量显著高于非根际土(P<0.05),且显著高于 HMC 与 SCJ 根际土含量(P<0.05);其中,BLH 根际与非根际土壤中 AP 和 NO_3^--N 含量都较高;HMC 根际与非根际土壤 AP 含量相对较少;SCJ 根际土壤中 pH 值和 EC 较其他两种植物最高,分别为 8.30 和 190.37μs/cm。

表 1　不同植物根际与非根际土壤化学性质

Table 1　Chemical properties of rhizosphere and non-rhizosphere soils of different plant species

植被 Vegetation	部位 Position	pH 值	电导率 EC/(μs/cm)	有机质 SOM/(g/kg)	速效磷 Available P/(mg/kg)	铵态氮 NH_4^+-N/(mg/kg)	硝态氮 NO_3^--N/(mg/kg)	样品数 Number
BLH	R	8.21±0.11 Aa	181.28±9.85 Aab	6.40±1.00 Aa	21.99±2.75 Aa	48.67±4.31 Aa	5.29±0.52 Aa	15
	non-R	8.29±0.07 Aa	171.74±19.40 Aa	9.70±0.57 Ba	31.11±4.51 Ba	83.29±7.19 Ba	4.68±0.06 Ba	15
HMC	R	8.24±0.11 Aa	176.73±9.73 Aa	6.88±0.82 Aa	15.27±1.73 Ab	52.61±6.63 Aa	3.63±0.26 Ab	15
	non-R	8.30±0.08 Aa	177.38±15.20 Aa	7.15±0.50 Ab	17.22±1.05 Aa	31.30±2.68 Bb	3.29±0.12 Ab	15
SCJ	R	8.30±0.11 Aa	190.37±11.22 Ab	8.78±0.86 Ab	16.35±1.68 Ab	40.35±6.79 Ab	3.56±0.28 Ab	15
	non-R	8.28±0.13 Aa	169.54±14.45 Aa	9.36±0.37 Ab	19.58±1.69 Aa	30.98±3.79 Bb	3.83±0.07 Ac	15

BLH:博乐蒿,*Artemisia boratalensis*;HMC:旱麦草,*Eremopyrum triticeum*;SCJ:四齿芥,*Tetracme quadricornis*;EC:电导率,Electrical conductance;SOM:土壤有机质,Soil organic matter;R:根际土壤,Rhizosphere soil;non-R:非根际土壤,non-rhizosphere soil;不同小写字母表示各植物同一部位土壤理化性质差异显著(P<0.05),不同大写字母表示同一种植物不同部位土壤理化性质差异显著(P<0.05),数值为平均值±标准差(Mean±SD)

3.2　不同植物根际与非根际土壤微生物 AWCD 变化

平均颜色变化率(AWCD)是一个反映土壤微生物活性,表征利用单一碳源能力的重要指标[16],在一定程度上能够反映土壤中微生物种群的数量和结构特征。AWCD 值越大,表示微生物活性越高,反之越低。

由图 1 可知,3 种植物类型中 AWCD 值均随时间延长而增加,表明不同植物土壤的微生物活性都随时培养时间的增加而增加,并且各植物根际土壤的 AWCD 值在 24h 内无明显变化,在 24h 后急剧上升,根际土上升速度快于非根际土。AWCD 值表现为:BLH>SCJ>HMC。

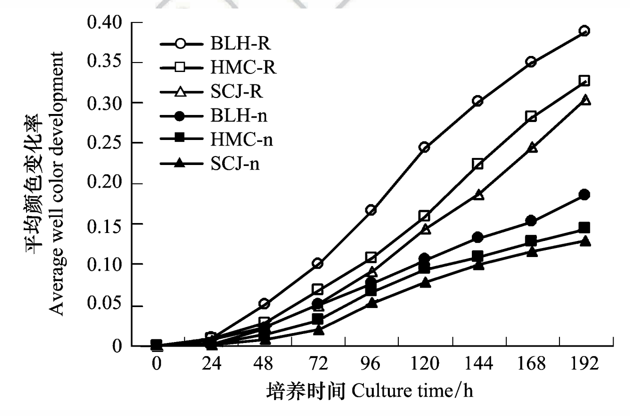


图 1　不同植物根际与非根际土壤微生物 AWCD 随培养时间的变化

Fig. 1　Average well color development (AWCD) between rhizosphere and non-rhizosphere soil of different species

BLH:博乐蒿,*Artemisia boratalensis*;HMC:旱麦草,*Eremopyrum triticeum*;SCJ:四齿芥,*Tetracme quadricornis*;R:根际土壤,Rhizosphere soil;n:非根际土壤,non-rhizosphere soil

3.3　不同植物根际与非根际土壤微生物多样性指数变化

根据不同植物根际与非根际碳源利用情况,综合考虑其变化趋势,选取光密度趋于稳定的 120h 的光密度值进行土壤微生物群落代谢多样性分析。从表 2 中看到,BLH 和 HMC 的根际土壤微生物 Simpson 指数均显著小于非根际土(P<0.05),SCJ 根际土壤 Simpson 最大;Shannon 指数中,BLH 与 HMC 根际土壤微生物 Shannon 均大于非根际土,而 SCJ 显著小于(P<0.05);BLH 非根际土 McIntosh 指数显著大于 HMC 与 SCJ(P<0.05),SCJ 根际土壤均匀度显著小于非根际土(P<0.05),其他比较无显著差异。总体来看,BLH 根际土壤微生物群落丰富度与均匀度最好,相比 HMC 和 SCJ 具有较宽的微生物种群生态位。

表 2　不同植物根际与非根际土壤微生物功能多样性指数(120h)

Table 2　The functional diversity of rhizosphere and non-rhizosphere soil microbial community under different plant species(120h)

类别 Type		优势度指数 Simpson(D)	丰富度指数 Shannon(H)	均匀度指数 McIntosh(U)
BLH	R	22.29±1.17 Ba	1.88±0.23 Aa	1.53±0.28 Aa
	non-R	28.09±4.65 Aa	1.80±0.15 Aa	1.28±0.09 Aa
HMC	R	28.36±3.34 Aa	1.82±0.34 Aa	1.21±0.86 Aa
	non-R	34.98±4.27 Bb	1.61±0.27 Aa	0.99±0.10 Ab
SCJ	R	33.93±4.42 Ab	1.78±0.31 Aa	0.95±0.42 Aa
	non-R	28.20±4.03 Bc	2.08±0.14 Bb	1.98±0.08 Bc

R 与 non-R,不同大写、小写字母与数值同上

3.4 不同植物根际与非根际土壤微生物代谢多样性类型的变化

运用 SPSS 软件对培养 120h 后的土壤微生物进行主成分分析。数据矩阵包括 15 行代表独山子试验区的 15 个样地,31 列代表生态板上分布的 31 种不同的碳源物质。

3 种优势草本植物根际土壤微生物碳源的利用结果见表 3,共提取了 3 个主成分,累计贡献率达92.225%。第 1 主成分(PC1)的方差贡献率为 48.515%,第 2 主成分(PC2)为 30.398%,第 3 主成分(PC3)为13.312%。对第 1 主成分(PC1)贡献较大的 C 源有 12 种,为 β-甲基 D-葡萄糖苷、D-半乳糖酸 γ 内酯、D-半乳糖醛酸、吐温 80、N-乙酰基-D-葡萄胺、r-羟基丁酸、D-纤维二糖、D,L-a-甘油、a-环状糊精、D-氨基葡萄糖酸、葡萄糖-1-磷酸盐、以及腐胺;对第 2 主成分(PC2)贡献较大的 C 源有 5 种,为 D-木糖、吐温 40、I-赤藻糖醇、L-苏氨酸和肝糖;对第 3 主成分(PC3)贡献较大的有甘氨酰-L-谷氨酸、苯乙基胺和 a-D-乳糖 3 种。上述主成分中包含的碳源类型有糖类 7 种,脂类、酸类和胺类各 3 种,醇类、氨基酸类各包含 2 种,主要碳源利用类型是糖类、脂类、酸类以及胺类,表明这 3 种植物根际土壤微生物对上述 4 类碳源比较敏感。

表 3 3 种优势草本植物根际土壤微生物碳源各个主成分特征值和累计贡献率

Table 3 Eigenvalues and cumulative contribution rate of components

主成分 Component	特征值 Eigenvalues	贡献率 Contribution rate/%	累计贡献率 Cumulative contribution rate/%
1	15.53	48.52	48.52
2	9.73	30.40	78.91
3	4.26	13.31	92.23

3 种优势草本植物非根际土壤微生物碳源的利用结果见表 4,共提取了 3 个主成分,累计贡献率达 92.470%。第 1 主成分(PC1)的方差贡献率为 63.417%,第 2 主成分(PC2)为 17.323%,第 3 主成分(PC3)为 11.730%。其中对第 1 主成分(PC1)贡献较大的 C 源有 14 种,为 β-甲基 D-葡萄糖苷、D-半乳糖酸 γ 内酯、L-精氨酸、D-木糖、D-半乳糖醛酸、I-赤藻糖醇、2-羟苯甲酸、4-羟基苯甲酸、L-丝氨酸、r-羟基丁酸、D-氨基葡萄糖酸、衣康酸以及腐胺;对第 2 主成分贡献较大的 C 源有 5 种,分别是 L-苯基丙氨酸、a-环状糊精、N-乙酰基-D-葡萄胺、L-苏氨酸和 a-丁酮酸;对第 3 主成分贡献较大的有肝糖和苯乙基胺 2 种。以上主成分中的贡献碳源类型包括酸类 7 种,氨基酸类 5 种,糖类 4 种,胺类 3 种,脂类与醇类各 1 种。主要碳源利用类型是酸类、氨基酸类以及糖类,表明非根际土壤微生物对上述 3 种碳源比较敏感。

表 4 3 种优势草本植物非根际土壤微生物碳源各个主成分特征值和累计贡献率

Table 4 Eigenvalues and cumulative contribution rate of components

主成分 Component	特征值 Eigenvalues	贡献率 Contribution rate/%	累计贡献率 Cumulative contribution rate/%
1	20.29	63.42	63.42
2	5.54	17.32	80.74
3	3.75	11.73	92.47

对 3 种植物根际与非根际土壤微生物碳源物质利用情况进行主成分分析,得到两个主成分,分别为 PC1(79.67%)和 PC2(7.93%),累计解释量为 87.59%,可以解释 BLH、HMC 及 SCJ 这 3 种植物在碳源物质利用上差异的大部分信息。如图 2 所示,不同植物根际环境微生物对碳源的利用存在较明显的空间分异,可见植物根际环境微生物代谢特征受不同植物类型的显著影响。其中 BLH 与 HMC 之间碳源利用差异不显著。

3.5 不同植物根际与非根际土壤微生物多样性与土壤化学性质的相关关系

将 120h 平均颜色变化率 AWCD 值、优势度指数 Simpson(D)、丰富度指数 Shannon(H)、均匀度指数 McIntosh(U)与土壤化学性质各指标进行相关分析,如表 5 所示,培养时间 120h 时,AWCD 与 pH 显著负相关($P<0.05$)、与 NO_3^--N 显著正相关($P<0.05$),与 SOM 和 AP 极显著正相关($P<0.01$);D 与 NO_3^--N 显著正相关

($P<0.05$)、与 SOM 极显著负相关($P<0.01$);H 与 SOM 显著正相关($P<0.05$)、与 NO_3^--N 显著负相关($P<0.05$);U 与pH和 NO_3^--N 均显著负相关($P<0.05$)。

4　讨论

本试验通过 Biolog-ECO 微平板法对独山子石化工业区周边 3 种优势草本植物根际与非根际土壤微生物功能多样性进行研究,发现不同植物之间的土壤微生物活性(AWCD)、优势度指数 Simpson(D)、丰富度指数 Shannon(H)、均匀度指数 McIntosh(U)均存在一定差异。其中,博乐蒿相比其他两种植物根际土微生物具有更好的微生物代谢能力、丰富度与多样性,这是因为 BLH 具有较长的主根,侧根也较发达,根系越旺盛,根际土壤中便会有更多种类和数量的根系分泌物和脱落物,且能够减少外部环境对土壤微生物功能多样性的影响[17],当然,不同的植被类型也是造成差异的原因之一。Melany 发现不同植被类型能够影响土壤微生物活性和功能组成格局[18]。Kaiser[19]、Smalla[20]等人也发现同一地区不同植被类型、同一植物不同基因型或同一基因型不同发育阶段的根际土壤微生物多样性均有不同。以上报道均与本研究结果一致,导致差异的原因可能与植被组成、植物残体、根系分泌物和土壤理化性质等生态因子有关[21]。也表明,植物根际土壤微生物功能多样性不仅与植物类型有关,在不同生长阶段也依然存在差异,具有一定时空特征。

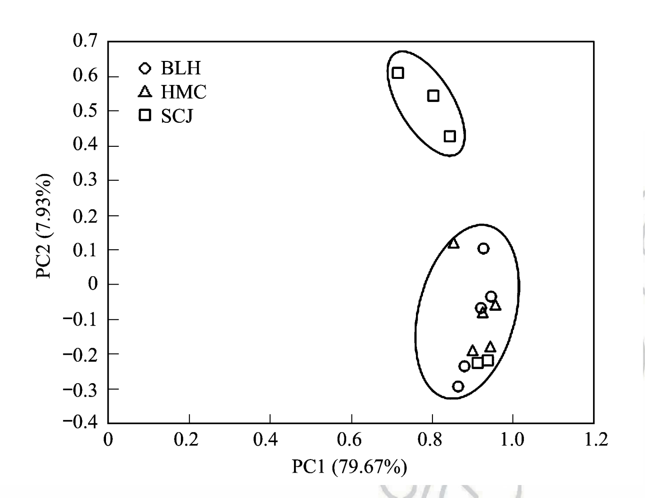


图 2　不同草本植物土壤微生物群落功能的主成分分析

Fig.2　Principal component analysis of soil microbial community function at different plants

表 5　石化工业区优势草本植物根际与非根际土壤化学性质与微生物功能多样性的相关关系

Table 5　The correlations between microbial functional diversity and chemical properties of rhizosphere and non-rhizosphere soils

相关系数 Correlations	AWCD	Simpson (D)	Shannon (H)	McIntosh (U)
pH	−0.54*	0.15	−0.12	−0.54*
EC	0.13	0.07	0.03	0.04
SOM	0.72**	−0.72**	0.55*	0.22
AP	0.69**	0.05	−0.03	0.10
NH_4^+-N	−0.01	−0.08	0.02	−0.08
NO_3^--N	0.64*	0.54*	−0.63*	−0.60*

* 表示 $P<0.05$; ** 表示 $P<0.01$

研究结果还显示,不同植物根际土壤微生物各指数均大于自身非根际土,这可能是因为植物根系和植物残体给根际土壤微生物提供了适宜生长的场所与物质来源,植物向根际土壤分泌的碳水化合物越多,根际微生物对碳底物利用的能力便越强[22]。与腾应等在研究复垦红壤中牧草根际微生物群落时的结果一致[23]。赵燕娜等人也发现土壤微生物数量与土壤酶活性均表现出根际聚集现象[24]。同时,除 SCJ 外,其他两种植物根际土壤 pH 值和 EC 均小于非根际土,造成这种差异的原因可能是因为 BLH 与 HMC 在其根际能够选择性的富集一些盐基离子,从而减少土壤中 OH^-[25],又由于植物根系对不同物质的吸收速率不同,使植物根际出现土壤矿物质盐分离子的吸收或富集,并与非根际土壤表现出不同的盐分含量[26]。从本研究中可以看出,博乐蒿与旱麦草能够较好的适应盐碱条件,并给土壤微生物提供较好生存环境,提高土壤肥力,改善土壤状况。

土壤微生物与土壤化学性质关系的研究发现,SOM 对 AWCD 和 U、NO_3^--N 对 H 均具有正效应。这可能是因为 SOM 为土壤微生物提供必要的营养物质和能量,利于微生物活性的提高,而 NO_3^--N 不但能够提高微生物活性,同时还可抑制微生物绝对优势种群出现,释放生态位,从而提高微生物多样性[27]。排序结果也表明,土壤中大部分营养物质和适当的盐分含量能够提高微生物活性与功能多样性,而土壤酸碱度是抑制微生物活

性与功能多样性的主要环境因子,与相关研究结果一致[28-29]。

5 结论

(1)不同植物根际与非根际土微生物代谢强度不同,本研究中博乐蒿根际土具有较好的微生物活性;各植物根际土壤微生物对糖类、脂类、酸类和胺类碳源物质比较敏感,非根际土壤微生物敏感于酸类、氨基酸类以及糖类碳源物质,根际土壤微生物利用碳源宽度更大,且不同植物类型根际环境微生物碳源利用特征不同。研究表明,植被的存在能够提高土壤微生物活性和功能多样性,土壤状况越好,越有利于适应环境变化。

(2)与土壤化学性质的相关分析发现,影响土壤微生物功能多样性的主要因子有 pH 值、SOM、AP 和 NO_3^--N。表明影响土壤微生物多样性的因素不仅与碳源物质的来源、植物根系分泌物等因素有关,还与土壤化学性质存在一定联系,更深层关系和原因还有待进一步研究。

参考文献(References):

[1] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive Earth's biogeochemical cycles. Science, 2008, 320(5879): 1034-1039.

[2] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 沈其荣, 贺纪正, 黄巧云, 贾仲君, 冷疏影, 朱永官. 中国土壤微生物学研究 10 年回顾. 地球科学进展, 2013, 28(10): 1087-1105.

[3] 罗希茜, 郝晓晖, 陈涛, 邓婵娟, 吴金水, 胡荣桂. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响. 生态学报, 2009, 29(2): 740-748.

[4] 林先贵, 胡君利. 土壤微生物多样性的科学内涵及其生态服务功能. 土壤学报, 2008, 45(2): 892-900.

[5] 杜滢鑫, 谢宝明, 蔡洪生, 唐璐, 郭长虹. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性. 生态学报, 2016, 36(3): 740-747.

[6] 安韶山, 李国辉, 陈利顶. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤微生物功能多样性. 生态学报, 2011, 31(18): 5225-5234.

[7] Nicolitch O, Colin Y, Turpault M P, Uroz S. Soil type determines the distribution of nutrient mobilizing bacterial communities in the rhizosphere of beech trees. Soil Biology and Biochemistry, 2016, 103: 429-445.

[8] 马琨, 杨桂丽, 马玲, 汪春明, 魏常慧, 代晓华, 何文寿. 间作栽培对连作马铃薯根际土壤微生物群落的影响. 生态学报, 2016, 36(10): 2987-2995.

[9] 冯伟, 管涛, 王晓宇, 朱云集, 郭天财. 沼液与化肥配施对冬小麦根际土壤微生物数量和酶活性的影响. 应用生态学报, 2011, 22(4): 1007-1012.

[10] Wei J, Liu X Y, Zhang X Y, Chen X, Liu S, Chen L. Rhizosphere effect of *Scirpus triqueter* on soil microbial structure during phytoremediation of diesel-contaminated wetland. Environmental Technology, 2014, 35(4): 514-520.

[11] Lal R, Mokma D, Lowery B. Relation between soil quality and erosion//Ratta R, Lal R, eds. Soil Quality and Soil Erosion. Washington DC: CRC Press, 1999: 237-258.

[12] 周桔, 雷霆. 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望. 生物多样性, 2007, 15(3): 306-311.

[13] Riley D, Barber S A. Bocarbonate accumulation and pH changes at the soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) root-soil interface. Soil Science Society of America Journal, 1969, 33(6): 905-908.

[14] Schutter M, Dick R. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(11): 1481-1491.

[15] 鲍士旦. 土壤农化分析. 北京: 中国农业出版社, 2000: 179-183.

[16] Benizri E, Amiaud B. Relationship between plants and soil microbial communities in fertilized grasslands. Soil Biology and Biochemistry, 2005, 37(11): 2055-2064.

[17] 曹永昌, 杨瑞, 刘帅, 王紫泉, 和文祥, 耿增超. 秦岭典型林分夏秋两季根际与非根际土壤微生物群落结构. 生态学报, 2017, 37(5): 1667-1676.

[18] Fisk M C, Ruether K F, Yavitt J B. Microbial activity and functional composition among northern peatland ecosystems. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35(4): 591-602.

[19] Kaiser O, Pühler A, Selbitschka W. Phylogenetic analysis of microbial diversity in the rhizoplane of oilseed rape (Brassica napus cv. Westar) employing cultivation-dependent and cultivation-independent approaches. Microbial Ecology, 2001, 42(2): 136-149.

[20] Smalla K, Wieland G, Buchner A, Zock A, Parzy J, Kaiser S, Roskot N, Heuer H, Berg G. Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed. Applied and Environmental

Microbiology, 2001, 67(10): 4742-4751.

[21] Kowalchuk G A, Buma D S, de Boer W, Klinkhamer P G L, van Veen J A. Effects of above-ground plant species composition and diversity on the diversity of soil-borne microorganisms. Antonie van Leeuwenhoek, 2002, 81(1): 509-520.

[22] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望. 植物生态学报, 2014, 38(3): 298-310.

[23] 滕应, 黄昌勇, 龙健, 姚槐应. 复垦红壤中牧草根际微生物群落功能多样性. 中国环境科学, 2003, 23(3): 295-299.

[24] 赵燕娜, 廖超英, 李晓明. 毛乌素沙地 4 种固沙植物根际与非根际土壤生物学特性. 干旱区研究, 2015, 32(4): 680-686.

[25] 王宏伟, 黄清俊, 李萍, 朱继军, 陈必胜. 3 种草本植物盐碱土栽培地的根际环境变化. 上海农业学报, 2012, 28(3): 66-69.

[26] Kasuga M, Liu Q, Miura S, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K. Improving plant drought, salt, and freezing tolerance by gene transfer of a single stress-inducible transcription factor. Nature Biotechnology, 1999, 17(3): 287-291.

[27] 胡婵娟, 傅伯杰, 刘国华, 靳甜甜, 刘宇. 黄土丘陵沟壑区典型人工林下土壤微生物功能多样性. 生态学报, 2009, 29(2): 727-733.

[28] Cartwright J, Dzantor E K, Momen B. Soil microbial community profiles and functional diversity in limestone cedar glades. Catena, 2016, 147: 216-224.

[29] Torsvik V, Øvreås L. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems. Current Opinion in Microbiology, 2002, 5(3): 240-245.